https://www.gen-ethisches-netzwerk.de/node/1573

Gen-ethischer Informationsdienst

Abstammung und typologisches Denken

DNA-Tests, Gruppenidentität und die Flüchtigkeit von Kategorien

Immer mehr Unternehmen in den USA werben insbesondere unter AfroamerikanerInnen mit DNA-Tests, um die Herkunft der Vorfahren zu ermitteln. Was sagen diese Tests eigentlich aus - und inwiefern vermitteln sie Vorstellungen „rassischer“ Zugehörigkeit? Eine kritische Auseinandersetzung mit den Methoden und Konzepten der Populationsgenetik ist für die Beantwortung dieser Fragen unabdingbar. Wir dokumentieren Auszüge aus einem Report zu Rassismus und Genetik des US-amerikanischen Center of Genetics und Society.

Genetische Abstammungstests untersuchen die individuelle DNA nach bestimmten genetischen Markern. Leute, die eng miteinander verwandt sind, erben dieselben Marker von gemeinsamen Vorfahren, was es erlaubt, die Verwandtschaftsbeziehung zwischen ihnen zu bestimmen. Bestimmte genetische Marker werden zudem in bestimmten Regionen der Welt häufiger gefunden als in anderen Regionen. Diese Marker gelten als Schlüssel dafür, die geographische Herkunft einer bestimmten genetischen Sequenz bestimmen zu können. Die technologischen Entwicklungen, auf die auch kommerziell angebotene Abstammungs-Tests [1] zurückgreifen, kommen zu einem Großteil aus der Populationsgenetik.

Populationsgenetik und Gruppenbildung

In den letzten Jahrzehnten sind erhebliche akademische Ressourcen mobilisiert worden, um die Beziehungen zwischen genetischer Variation und Abstammung zu untersuchen. Die Zielsetzungen von Großprojekten wie dem Humane Genome Diversity Project, dem International HapMap Project oder dem Genographic Project [2] - neue Medikamente zu entwickeln oder etwas über die Geschichte der Menschheit zu erfahren - mögen ehrenhaft sein. KritikerInnen haben jedoch schon sehr früh eingewendet, dass „die Vorstellung, dass Bevölkerungen isoliert voneinander betrachtet und genetisch klar voneinander abgegrenzt werden könnten, vereinfachend ist. Diese Art des ‚typologischen Denkens’ - die Voraussetzung für jede Idee ‚rassischer’ [3] Differenz - war jahrelang auf dem Rückzug (...) und das aus guten Gründen: Dieses Denken unterstellt nicht nur, dass menschliche Bevölkerungsgruppen allein durch ihre genetischen Eigenschaften definiert werden können, sondern auch, dass diese Eigenschaften sich von Gruppe zu Gruppe klar voneinander unterscheiden.“[4] Populationsgenetiker, die an der Vorstellung unterscheidbarer Menschengruppen festhalten, argumentieren, dass die gesellschaftlichen Kategorien von „Rasse“ und die Forschungsergebnisse über genetische Differenzen korrelieren und dass fünf menschliche Hauptgruppen durch ihre kontinentale Herkunft unterschieden werden können. (...) Eines ihrer Argumente ist: Genetische Varianten (*Allele*) [5], die bei über 20 Prozent einer Bevölkerung eines Kontinents auftauchen, werden zwar auch bei den Bevölkerungen der anderen Kontinente vorgefunden. Je seltener sie jedoch sind, desto mehr wachse die

Wahrscheinlichkeit, dass sie nur in einer Gruppe auftreten. Der Soziologie Steven Epstein wendet dagegen ein: Genetische Unterschiede können „am besten verstanden werden, wenn man die Häufigkeit von spezifischen Allelen in Bezug zu rein räumlichen Parametern setzt und nicht in Bezug zu kategorialen Unterschieden zwischen Bevölkerungsgruppen. (...) Verschiedene Variationsmuster sind generell das Ergebnis einer rein durch räumlich Abgrenzung erfolgten Isolation. Genetische Differenzen zwischen Bevölkerungen sind demnach ungefähr proportional zu den geographischen Entfernungen zwischen ihnen. Daraus folgt: Unterschiede zwischen den Bevölkerungen auf der Ebene von SNPs (*Single Nucleotide Polymorphism*) sind ausnahmslos graduell und nicht absolut. Es gibt kein Beispiel für einen *Polymorphismus* , der ausschließlich in einer einzigen gesellschaftlichen Gruppe gefunden wurde (die durch Kategorien wie ‚Rasse', Ethnizität, Nation oder Kontinent definiert ist) oder den alle Angehörigen einer solchen Gruppe aufweisen. Deswegen sind alle Behauptungen über gruppenspezifische Polymorphismen (...) letztendlich Aussagen über prozentuelle Anteile."[6]

Von Gruppen und Bevölkerungen zu Individuen

Die Forschung über genetische Unterschiede zwischen kontinentalen Gruppen bildet die Grundlage für kommerzielle genetische Abstammungstests. Die Untersuchung von genetischen Unterschieden zwischen Gruppen und Tests für die *individuelle* Abstammung sind aber etwas ganz anderes. Studien über Bevölkerungsgruppen untersuchen ja lediglich, wie die Häufigkeiten verschiedener genetischer Unterschiede statistisch verteilt sind. Aus einer solchen statistischen Aussage lässt sich kein sicheres Ergebnis über eine *individuelle Abstammung* ableiten. Vor diesem Hintergrund scheint es noch dringlicher zu diskutieren, inwiefern die Übertragung der populationsgenetischen Forschungsergebnisse auf den Markt individueller Tests biologischen Vorstellungen von „Rasse" neues Leben einhauchen könnte. Die physische Anthropologin Deborah Bolnick dazu: „Obwohl Abstammungstests das Individuum als zentrale Einheit der Analyse herausstellen, sind Rückschlüsse auf die individuelle Abstammung sehr eng mit unseren Vorstellungen von Bevölkerungsgruppen und Vorstellungen genetischer Unterschiede zwischen ihnen verbunden. Es wird behauptet, dass die individuelle DNA von einer bestimmten Bevölkerungsgruppe (oder -gruppen) geerbt wird. Dies kann nur behauptet werden, wenn vorher Bevölkerungsgruppen genetisch voneinander unterschieden werden. Somit hängen Aussagen über die individuelle Herkunft eng mit unseren Vorstellungen von Rasse und biologischer Diversität zusammen."[7] Um diesen Zusammenhang zwischen problematischer Gruppenbildung und individuellen Tests besser zu verstehen, lohnt es sich, die Produkte auf dem Markt und die ihnen zugrundeliegenden Technologien genauer anzuschauen.

Wie funktionieren Abstammungstests?

Zur Zeit gibt es hauptsächlich drei Ansätze: 1. Die *mitochondrialen* (mtDNA) DNA-Tests beruhen auf dem Umstand, dass dieser Teil der DNA, der nicht im Zellkern, sondern in den Mitochondrien, den „Kraftwerken" der Zelle, vorliegt, nur von der Mutter an das Kind weitergegeben wird (im Unterschied zu dem größten Teil der DNA, der eine Mischung von beiden Elternteilen darstellt). Die mtDNA kann deshalb dazu benutzt werden, die direkte mütterliche Linie der Vorfahren zu testen. 2. Y-Chromosomen-Tests analysieren genetische Marker, die nur vom Vater an den Sohn weitergegeben werden, um bei Männern Rückschlüsse auf väterliche Vorfahren zu ziehen. 3. Das *admixture mapping* untersucht genetische Marker auf den nicht geschlechtsspezifischen Chromosomen, die DNA von beiden Eltern enthalten, um anhand von prozentualen Wahrscheinlichkeiten zu schätzen, ob es etwa afrikanische, native American, europäische oder ostasiatische Vorfahren gibt. Es gibt erhebliche methodologische Bedenken, ob diese Tests halten, was sie versprechen. In den ersten beiden Fällen beschränken sich die Abstammungstests darauf, bei dem getesteten Individuum ein bestimmtes Muster miteinander verbundener Genvariationen (*Haplotyp*) zu bestimmen und dieses Muster mit *Haplotypen* zu vergleichen, die bei Individuen aus verschiedenen Regionen erhoben wurden. Wenn Individuen einen *Haplotypen* haben, der in einer bestimmten Region häufiger vorkommt als in einer anderen, wird den Testkunden mitgeteilt, dass diese Region ihre geographische Herkunftsregion darstellen könne - und auch, dass dies ein Hinweis darauf ist, von was für einer „Rasse" sie abstammen.

Dieses Vorgehen leidet unter erheblichen Einschränkungen: Beide Tests untersuchen nur einen sehr kleinen Teil des Genoms, zu dem nicht nur unsere Eltern, sondern auch unsere Großeltern, Urgroßeltern usw. beigetragen haben. Sieben Generationen zurückzurechnen, heißt, dass 128 Urururururgroßeltern ihren „Anteil“ an dem individuellen Genom haben. Die mtDNA- und Y-Chromosomen-Tests liefern aber nur Informationen über einen oder - wenn sie kombiniert werden - zwei Vorfahren, deren genetische Marker, so die Annahme, unverändert weitergegeben wurden. Solche Tests geben somit keinerlei Auskunft über die 126 anderen Vorfahren. Sie eignen sich deswegen nicht dazu, einen Gesamteindruck über die Herkunft eines Individuums zu geben. Dennoch vermarkten die Anbieter beide Tests weiterhin als präzise und aussagekräftig und unterschlagen diese Grenzen dieser Tests. Der dritte Test, das *admixture mapping*, soll einige der genannten Probleme lösen. Der Test bezieht 175 *autosomale* Marker in die Untersuchung ein, entweder SNPs oder andere Marker. Es werden solche *Allele* oder Genvarianten herangezogen, die möglichst einzigartig sind oder sich in ihrer Häufigkeit, mit der sie in verschiedenen Populationen vorkommen, am stärksten unterscheiden.8 Diese Marker werden auch AIM (*Ancestry Informative Markers*) genannt. Da die meisten genetischen Marker nicht so stark nach der Region variieren, basiert *admixture mapping* nur auf einigen wenigen Markern. Auch wenn hier meist mit Wahrscheinlichkeiten hantiert wird, haben auch diese genetischen Informationen ihre problematische Seite. Konzeptuell legen sie nahe, dass genetisch klar voneinander unterschiedene Bevölkerungen existieren (oder existierten) und es somit auch „rassische“ Reinheit gibt oder zumindest irgendwann einmal gegeben hat. Obendrein hat Duana Fullwiley anhand des AIM-Anbieters *DNAPrint* gezeigt, dass „die Kontinente und Bevölkerungen, die sie für die Identifizierung ihre AIM-Marker aussuchten, nordamerikanischen Vorstellungen von ‚Rasse’ entsprechen. Obwohl die WissenschaftlerInnen, die diese AIM-Marker entwickelt haben, von ‚biogeographischer Abstammung’ sprechen, beziehen sich letztlich wieder auf die alt-bekannte konzeptuelle Anordnung der menschlichen Rassetypologien.“9

Zusammengefasste Kritikpunkte an Abstammungstests

Es gibt keine Genvariation, die nur in *einer* „rassischen“ Gruppe auftaucht. Eine Gruppe von WissenschaflerInnen hat jüngst im *Science Magazine* mit Blick auf die Abstammungstest von „fragwürdigen wissenschaftlichen Annahmen“ gesprochen. „Wenn ein *Haplotyp* besonders oft in einer Bevölkerung auftaucht, nehmen die Testanbieter oft an, dass es dieser erlaubt, die Herkunft aus dieser Bevölkerung zu diagnostizieren. Dies ist problematisch, weil es eine hohe genetische Diversität innerhalb der Bevölkerungen gibt und Gene auch zwischen Bevölkerungen übertragen und ausgetauscht werden (...). Die Testanbieter unterschlagen oft, dass ein *Allel* auch von einer Bevölkerung vererbt worden sein kann, innerhalb derer es seltener vorkommt.“10 Rückschlüsse von individuellen genetischen Markern auf eine bestimmte Bevölkerungsgruppe sind nur so aussagekräftig wie die Samples, die in den Datenbanken der Testunternehmen überhaupt gespeichert sind. Die gesamte Industrie hängt von den Daten einer relativ kleinen Gruppe von Menschen ab. Unter Umständen gilt heute ein Marker als eindeutiger Beweis für die Abstammung von einer bestimmten Gruppe, bei einer breiteren Datenerhebung kann sich aber herausstellen, dass der Marker überhaupt nicht spezifisch ist.11 Darüber hinaus sind die Datenbanken und Methoden, die die Testindustrie einsetzt, Privatbesitz und unterliegen keiner öffentlichen wissenschaftlichen Kontrolle. Sogar die derzeit größten Datenbanken sind weit davon entfernt, die menschliche genetische Diversität abbilden zu können: Individuelle Treffer in Bezug auf eine Region oder eine Bevölkerungsgruppe schließen nicht aus, dass es diese Treffer auch in Bezug auf andere Gruppen oder Regionen, die noch nicht erfasst wurden, geben könnte. Diese methodologischen Probleme erklären wahrscheinlich auch, warum Personen, die Gentests bei mehreren Unternehmen machen lassen, oftmals widersprüchliche Angaben über ihre Herkunft bekommen. Schließlich hat jede private Datenbank eine unterschiedliche Sammlung von *Haplotypen* aus der ganzen Welt in ihrem Sortiment. Die privaten Testanbieter bewegen sich mit ihren Versprechen weit jenseits dessen, was beim derzeitigen Stand der Wissenschaft über die individuellen Vorfahren behauptet werden kann. So bietet zum Beispiel das Unternehmen *Genetic Testing Laboratories* den Service „EarthOrgins“ an: „Entdecken Sie Ihre anthropologischen Wurzeln. Dieser einfache DNA-Test kann Ihnen erzählen, woher Ihre Vorfahren kamen und wohin sie migrierten. (…) Ihr einzigartiges geographisches und rassisches Erbe.“ Um noch einmal mit Deborah Belnick zu sprechen: „Siedlungsmuster

sind heute ganz anders als in der Vergangenheit, und gesellschaftliche Gruppen haben sich über die Zeit geändert, sowohl in Hinsicht auf ihre Bezeichnung als auch ihre Zusammensetzung. Samples in heutigen Datenbanken führen deswegen auf die falsche Spur.“11 Letztendlich gilt: Heutige gesellschaftliche Kategorien von „Rasse“ und heutige geographische Verbreitungen von Bevölkerungen als allgemeingültigen Bezugspunkt zu nehmen, um daraus vergangene Gruppenidentitäten und Wohnorte zu verstehen, ist nicht nur wissenschaftlich unlauter - es widerspricht auch allem, was wir über die Flüchtigkeit gesellschaftlicher Kategorien und die Flexibilität von Migrationsmustern wissen.
Auswahl, Überarbeitung und Übersetzung: Susanne Schultz

- 1Der Text bezieht sich im Folgenden mit dem Begriff Abstammungstest (engl: ancestry testing) also nicht auf Verwandtschaftstests, sondern auf Tests, die den Bezug zu einer regionalen und/oder „rassischen“ Herkunft herstellen (GID).
- 2Vgl. Torben Klußmann in GID 163, S. 13-14; Kurz notiert, GID 170, S. 35-37; und Interview mit Marianne Sommer, GID Spezial Nr. 8 (GID).
- 3Wir übersetzen hier die im US-amerikanischen ohne Anführungsstrichen aufgeführten Begriffe racial und race mit „rassisch“ oder „Rasse“ in Anführungsstrichen (GID).
- 4Roger Lewin: „Genes From a Disappearing World“, New Scientist, 29. Mai 1993.
- 5Kursiv gedruckt = siehe Kasten „Begriffe” (GID).
- 6Steven Epstein: Inclusion: The Politics of Difference in Medical Research, Chicago, 2007: 212. Das hier gekürzt wiedergegebene Zitat bezieht sich teilweise auf Aussagen von Rick Kittles und Kenneth Weiss (GID).
- 7Deborah Bolnick: „Individual Ancestry Inference and the Reification of Race as a Biological Phenomenon” in: Revisiting Race in a Genomic Age, Barbara Koenig u.a.. (Hg.), (im Erscheinen).
- 8Tony N. Frudakis, Molecular Photofitting: Predicting Ancestry and Phenotype Using DNA, 2008: 44.
- 9Duana Fullwiley: „Can DNA Witness Race?,” in: GeneWatch (im Erscheinen).
- 10Deborah Bolnick u. a.: „The Science and Business of Genetic Ancestry Testing”, in: Science, 19.10.2007.
- 11a11bBolnick, a.a.O.

Informationen zur Veröffentlichung

Erschienen in:
GID Ausgabe 197 vom Dezember 2009
Seite 11 - 15